

Etude de la transmission héréditaire du rang d'un nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier "Upland"

par

J. BOULANGER

Chef de la Section de Génétique
de la Station I.R.C.T. de BAMBARI (R.C.A.)

L'étude des caractères morphologiques du tronc et des branches, contribuant au port du cotonnier « Upland » (*Gossypium hirsutum*), présente pour le sélectionneur un intérêt particulier tant en raison des liaisons qui existent entre ces caractères et les caractères agronomiques de la plante, qu'en raison de leur utilisation pour la détermination de la pureté de l'unité de sélection.

Les observations effectuées sur les descendance du croisement Novi-Sad x Réba 511 (1) ont montré que le rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier était le critère de sélection le plus efficace du port du cotonnier et qu'il était fortement lié phénotypiquement et génotypiquement au nombre de branches végétatives.

Les branches fructifères, qui portent des boutons floraux à chaque nœud, apparaissent à une certaine hauteur sur la tige centrale du cotonnier. Si la première branche fructifère s'insère sur le tronc principal à un nœud de rang peu élevé (3 à 6), il en résulte un type de cotonnier sympodique, trapu, ayant peu de branches végétatives et propre à la culture motorisée. Si le premier sympode apparaît à un nœud de rang élevé (supérieur à 6) de la tige centrale, le cotonnier est élancé, d'aspect arborescent et porte de nombreuses branches végétatives. Ces deux types morphologiques sont modifiés dans un sens ou dans l'autre sens en fonction de la longueur des entre-nœuds et des conditions du milieu de culture.

Bien que la discrimination entre les deux tendances au cours du processus de la sélection se fasse visuellement (caractère considéré qualitativement) et qu'elle conduise à des résultats satisfaisants (2); il n'est pas possible, d'après les observations sur le rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du

cotonnier, de répartir les plantes de la génération F_2 d'un hybride en classes phénotypiques ayant une correspondance avec des classes génotypiques pour en déduire le mode d'hérédité, comme c'est le cas dans les études de transmission héréditaire des caractères qualitatifs. La variation en F_2 se présente d'une façon continue, révélant la nature quantitative de l'expression du caractère étudié, attribuable soit à une variation importante due au milieu et liée à la ségrégation d'un petit nombre de gènes, soit à une faible ou à une grande variation due au milieu et liée à la ségrégation d'un grand nombre de gènes (3).

L'étude des descendance de deux hybridations réalisées par la Section de Génétique de l'Institut de Recherches du Coton et des Textiles Exotiques de la Station de BAMBARI en République Centrafricaine, suivant la méthode de décomposition de la variance décrite par MATHER (4) pour les plantes autogames, a permis d'apporter des précisions sur le mécanisme de la transmission héréditaire du rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier « Upland ».

MATÉRIEL ET DISPOSITIF EXPÉRIMENTAL

Les observations furent effectuées sur les descendance des deux croisements: Stoneville B-1439 x Réba T.K./1 et Novi Sad x Réba 511, réalisés respectivement en 1956 et 1957.

La première hybridation avait pour buts le transfert du caractère « storm resistant » du Stoneville B-1439 [variété résistante aux jassides, isolée en 1950 dans le Stoneville 2B] au Réba T.K./1 [variété résistante à la bactériose, issue du croisement Banda

× N'Kourala et possédant B₂ et B₃ - LAGÈRE (5)] et la réduction du port arborescent de cette dernière variété.

Le deuxième croisement a été effectué dans le but de créer un ensemble de descendance voisines se différenciant par la durée de capsulaison (temps compris entre l'apparition de la fleur et la déhiscence de la capsule). Le Novi-Sad est un petit cotonnier d'origine yougoslave produisant des capsules à maturation rapide (42 à 45 jours dans le milieu de BAMBARI), tandis que le Réba 511 est un cotonnier à port élané, produisant des capsules à maturation longue (52 à 55 jours).

Les quatre variétés utilisées dans les deux croisements ont été autofécondées pendant plusieurs années à la Station de BAMBARI et peuvent être considérées comme des lignées fixées pour les caractères morphologiques.

Pour chaque croisement, les observations ont été effectuées pendant deux années de suite dans les mêmes conditions de culture sur 10 plants « entourés » dans des parcelles élémentaires de 16 plants, l'unité d'analyse étant le plant individuel. Les parcelles élémentaires d'une répétition constituaient un « Completely random design with equal subsample number » (6). Dans chacune des 2 répétitions, les parents (P₁ et P₂) et la F₁ figuraient 3 fois (analyse de 30 plants par genotype), et la F₂ était représentée

par 6 parcelles élémentaires (analyse de 60 plants). La seconde année, l'essai fut ressemé et comprenait, en plus des 15 parcelles précédentes par répétition, des parcelles élémentaires F₂: 19 parcelles F₂ pour le premier croisement et 25 parcelles F₂ pour le second croisement, chaque parcelle élémentaire F₂ représentait la descendance d'un plan F₂ autofécondé.

Le rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier a été repéré numériquement pour chaque plant en prenant pour origine le nœud cotylédonnaire, dénommé nœud numéro 1.

OBSERVATIONS

Dans chaque croisement, les parents P₁ (Stoneville B-1439 ou Novi-Sad) et P₂ (Réba T.K./1 ou Réba 511) ont leur première branche fructifère qui apparaît à un nœud de rang différent. La variation en F₂ est continue, allant du parent inférieur au parent supérieur; il n'y a pas de phénomène de transgression. Les moyennes des plants en F₁ et en F₂ sont intermédiaires entre celles des parents, et les moyennes des croisements de retour réciproques (R₁ et R₂) se situent entre les moyennes de la F₁ et du parent récurrent (Tableau I, Graphique 1).

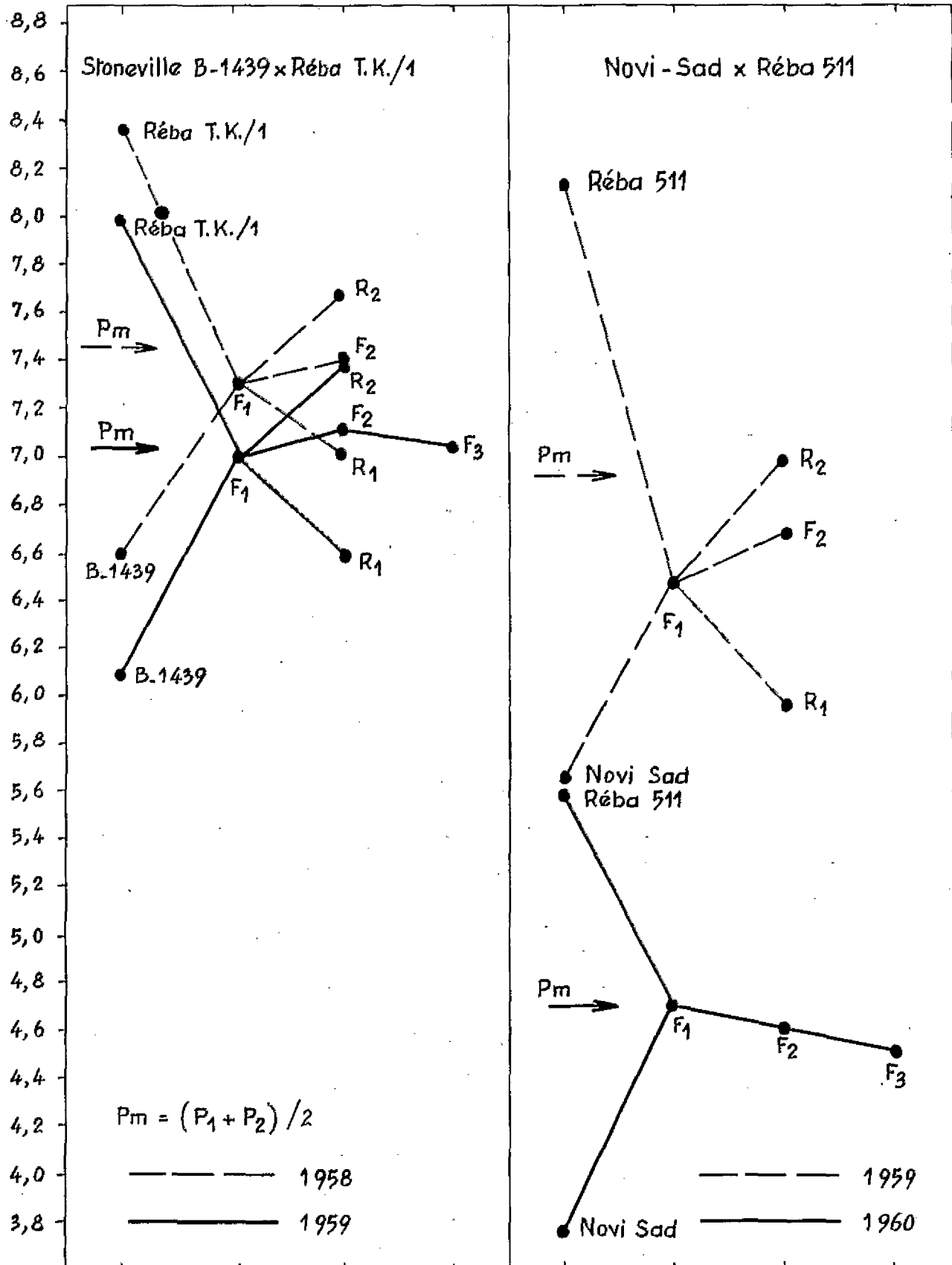
Tableau I

Rang moyen du nœud d'insertion de la première branche fructifère

Génération	Stoneville B-1439 x Réba T.K./1				Novi-Sad x Réba 511			
	1958		1959		1959		1960	
	Moy.	E. type	Moy.	E. type	Moy.	E. type	Moy.	E. type
P ₁	6,617	0,082	6,083	0,082	5,675	0,105	3,766	0,067
R ₁	7000	0,126	6,566	0,087	5,975	0,083		
F ₁	7,316	0,108	6,933	0,087	6,525	0,081	4,733	0,058
R ₂	7,683	0,136	7,416	0,097	7,025	0,083		
P ₂	8,350	0,135	7,983	0,082	8,200	0,084	5,616	0,073
F ₂	7,425	0,108	7,158	0,068	6,693	0,010	4,591	0,057
F ₃			7,033	0,042			4,552	0,026

Ces moyennes vérifient les relations établies par MATHER (4) pour un caractère contrôlé par des gènes

ayant des effets additifs et indépendants (Tableau II).



Graphique 1. — Rang moyen du nœud de la première branche fructifère suivant la génération.

Tableau II

Relations d'additivité entre les moyennes des différentes générations

Relations		Quantités		Variances	
$R_1 = 1/2 (P_1 + F_1)$		A $2R_1 - P_1 - F_1$		$V_A = 4 V_{R1} + V_{P1} + V_{F1}$	
$R_2 = 1/2 (P_2 + F_1)$		B $= 2R_2 - P_2 - F_1$		$V_B = 4 V_{R2} + V_{P2} + V_{F1}$	
$F_2 = 1/4 (P_1 + P_2 + 2 F_1)$		C $= 4 F_2 - 2 F_1 - P_1 - P_2$		$V_C = 16 V_{F2} + 4 V_{F1} + V_{P2} + V_{P1}$	

Quantités	Stoneville B-1439 x Réba T.K./1				Novi-Sad x Réba 511			
	1958		1959		1959		1960	
	Moy.	E. type	Moy.	E. type	Moy.	E. type	Moy.	E. type
A	0,067	0,257	0,066	0,211	-0,250	0,211		
B	-0,300	0,322	-0,134	0,218	-0,675	0,203		
C	0,101	0,598	0,600	0,343	-0,153	0,214	-0,484	0,275

Les quantités A, B et C sont nulles dans les limites de précision déterminées par l'erreur d'échantillonnage des différentes moyennes à l'exception de la quantité B, calculée à partir des observations de 1959 effectuées sur les descendance du croisement Novi-Sad x Réba 511. Dans ce dernier cas, la F_1 diffère du parent moyen et la « potence » (rapport de la différence de la F_1 au parent moyen sur la demie différence entre les deux parents) est de 32 %

(Tableau III), ce qui indique une dominance dans le sens sympodique. Selon MATHER (4), la potence ne mesure la vraie valeur de la dominance génétique que si les actions positives des gènes sont réunies chez le même parent et si les accroissements dus à la dominance ont le même signe pour tous les loci. Dans les autres cas, les faibles différences constatées entre les moyennes des F_1 , F_2 et F_3 et le parent moyen peuvent provenir d'une absence de dominance.

Tableau III

Importance de la dominance

Relations	Ston. B-1439 x Réba T.K./1		Novi-Sad x Réba 511	
	1958	1959	1959	1960
F_1	7,316	6,983	6,525	4,733
$(P_1 + P_2)/2$	7,483	7,033	6,937	4,691
$F_1 - (P_1 + P_2)/2$	-0,167	-0,050	-0,412	0,042
$[F_1 - (P_1 + P_2)/2] / (P_2 - P_1)/2$	-19 %	-5 %	-32 %	-4 %

Il n'y a pas de corrélation entre les moyennes des générations génétiquement homogènes P_1 , P_2 et F_1 et les variances qui affectent ces moyennes (Tableau IV). Ces variances satisfont le test d'homogénéité de BARTLETT (7) à l'exception du croisement Stoneville

B-1439 x Réba T.K./1 de 1958. Dans trois cas sur quatre, il est possible d'affirmer que la variation aléatoire est la même tout au long de l'échelle des mesures.

Tableau IV
Test d'homogénéité des variances de Bartlett

Générations	Stoneville 1439 x Réba T.K./1				Novi-Sad x Réba 511			
	1958		1959		1959		1960	
	N° nœud	Variance	N° nœud	Variance	N° nœud	Variance	N° nœud	Variance
F ₁	6,617	0,4067	6,083	0,3898	5,675	0,4703	3,766	0,2830
P ₁	7,316	0,6949	6,983	0,4576	6,525	0,2564	4,733	0,2000
P ₂	8,350	1,0847	7,983	0,4067	8,200	0,2810	5,616	0,3034
2 corrigé	13,70		0,396		3,972		2,950	
Probabilités ..	P < 0,005		0,750 < P < 0,900		0,100 < P < 0,250		0,100 < P < 0,250	

D'après l'examen des moyennes du Tableau I et du graphique, il était possible de pressentir une forte action des conditions particulières de chaque année et une interaction « génotype x milieu » pour les années 1959 et 1960 au cours desquelles a été étudié le croisement Novi-Sad x Réba 511. L'analyse globale des valeurs des génotypes P₁, P₂ et F₁ (Tableau V) pour les deux années d'étude de chaque croisement

confirme ces déductions. L'interaction « génotype x milieu », statistiquement significative, est attribuable au comportement de la variété Réba 511, lequel semble anormal en 1959. En effet, la valeur de sa moyenne, à l'inverse de celle observée en 1960, ne vérifie pas les relations d'additivité qui existent entre les moyennes des générations en ségrégation quelle que soit l'année.

Tableau V
Analyse globale de la variance des génotypes P₁, P₂ et F₁ (2 années)

Origine de la variation	Stoneville 1439 x Réba T.K./1			Novi-Sad x Réba 511		
	Carrés	Degré de liberté	Carrés moyens	Carrés	Degré de liberté	Carrés moyens
Génotypes	1 990	2	995	2 264	2	1 132
Années	151	1	151	3 192	1	3 192
Génotypes x Années	7	2	3,5	83	2	41,5
Erreur	369	30	12,3	74	24	3,1
Total	2 517	35		5 163	29	

Finalement, l'échelle des mesures, empiriquement adoptée dans l'étude de la transmission héréditaire du rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier dans les deux croisements réalisés à BAMBARI, montre en moyenne que les effets génétiques des facteurs contrôlant ce caractère sont additifs et que l'action du milieu est indépendante du génotype. L'étude des variances des générations en disjonction : F₂ et F₃ peut donc s'effectuer suivant la méthode développée par MATHER en 1949 (4).

ESTIMATIONS DES COMPOSANTES DE LA VARIATION EN F₂ ET EN F₃

FISHER, IMMER et TEDIN en 1932 (8) et MATHER en 1949 (4) montrèrent pour les différentes générations des plantes autogames que la variance des mesures d'un caractère pouvait être scindée en trois termes :

— un terme proportionnel à la somme des carrés (D) des effets élémentaires des gènes contrôlant la différence d'expression du caractère étudié chez les deux génoteurs choisis et représentant la fraction héréditaire fixable ;

Tableau VI

Variances et composantes de la variation des croisements de retour, de la F_2 et de la F_3

Variances et compo- santes	Stoneville B-1439 x Réba T.K./1							Novi-Sad x Réba 511						
	1958	1959						1959	1960					
	Obs- vées	Observées			Estimées (linkage)			Obs- vées	Observées			Estimées (linkage)		
	Moy.	1 ^{re} Rep.	2 ^e Rep.	Moy.	sans	E. type	avec	Moy.	1 ^{re} Rep.	2 ^e Rep.	Moy.	sans	E. type	avec
$V_1 F_2$	1,1509	0,6796	0,5574	0,6185	0,6169	0,1857	0,6174	0,3899	0,3685	0,3851	0,3768	0,3846	0,1595	0,3970
$V_1 R_1$	1,0900	0,3962	0,4629	0,4296	0,5263	0,1023		0,2820						
$V_1 R_2$	1,0981	0,5333	0,6407	0,5870	0,5263	0,1023		0,2820						
$V_1 F_3$		0,2843	0,2236	0,2540	0,2519	0,1129	0,2518		0,0870	0,1025	0,0947	0,1345	0,0962	0,1353
$V_2 F_3$		0,5760	0,4748	0,5254	0,5263	0,1067	0,5267		0,2920	0,2840	0,2880	0,3132	0,0908	0,3255
$V_1 F_{23}$		0,2538	0,1505	0,2021	0,2053	0,1138	0,2053		0,2004	0,2175	0,2090	0,1479	0,0971	0,1479
E_1		0,3814	0,4888	0,4351	0,4357	0,0353	0,4362		0,2901	0,2592	0,2747	0,2417	0,0302	0,2543
E_2		0,0367	0,0283	0,0325	0,0346	0,0355	0,0346		0,0200	0,0316	0,0258	—0,0150	0,0303	—0,0150
$D_{(1)}$					0,4587	0,1298	0,4586					0,3059	0,1118	0,3059
$D_{(2)}$	0,4074				0,4408			0,4216						
H					—0,1927	0,4154	—0,1922					—0,0406	0,3545	—0,0407

$D_{(1)}$: calculée d'après la méthode exposée par MATHER en 1949 (4) à partir des variances de la F_2 et de la F_3 et de la covariance F_2/F_3 .

$D_{(2)}$: calculée d'après la méthode exposée par WARNER en 1952 (10) à partir des variances de la F_2 et des deux croisements de retour.

— un terme proportionnel à la somme des carrés (H) des effets élémentaires de dominance et représentant la fraction héréditaire non fixable;

— un terme aléatoire (E) exprimant l'action du milieu et représentant la fraction non héréditaire de la variation, soit au niveau de la plante individuelle (E_1), soit au niveau de l'ensemble des plantes composant la descendance d'un géotype (E_2).

Ce qui s'écrit pour les différentes générations en symboles adoptés par MATHER (9):

— Variance de la F_2 : $V_1F_2 = 1/2 D + 1/4 H + E_1$

— Variance des moyennes des familles F_3 :
 $V_1F_3 = 1/2 D + 1/16 H + E_1$

— Variance moyenne des familles F_3 :
 $V_1F_3 = 1/4 D + 1/8 H + E_1$

— Covariance entre les moyennes des familles F_3 et la plante mère F_2 : $V_1F_{23} = 1/2 D + 1/8 H$

— Somme des variances des deux premiers croisements de retour:
 $V_1R_1 + V_1R_2 = 1/2 D + 1/2 H + 2 E_1$

Le schéma statistique décrit dans le paragraphe « dispositif expérimental » permet: (Annexe)

— d'estimer directement l'action du milieu sur les plantes isolées (E_1) à partir de la variation manifestée dans les parcelles élémentaires des parents et de leur F_1 de la même répétition;

— d'estimer directement l'action du milieu sur les moyennes des différentes familles F_3 (E_2) à partir de la variation des moyennes des parcelles élémentaires des parents et de leur F_1 représentés trois fois dans chaque répétition et comprenant dans chaque parcelle élémentaire un nombre de plantes identique à celui des différentes familles F_3 ;

— d'estimer V_1F_2 , V_1R_1 , V_1R_2 et V_1F_3 à partir des carrés des écarts des mesures individuelles par rapport aux moyennes des parcelles élémentaires respectives, de sorte que la composante non-héréditaire soit (E_1);

— d'estimer V_1F_3 à partir de la variation des moyennes des parcelles élémentaires F_3 de sorte que la composante non héréditaire soit (E_2);

— de tester le linkage et l'interaction résiduelle à partir des écarts entre les valeurs des estimations calculées et théoriques des variances des différentes générations dans une répétition et entre les répétitions.

Chez les plantes annuelles, les plantes F_2 et leurs descendances F_3 ne pouvant être cultivées côte à côte, la covariance V_1F_{23} a été estimée à partir de la somme des produits des écarts des mesures des plantes F_2 observées l'année précédente et des moyennes des F_3 issues de ces plantes par rapport à la moyenne respective de chaque génération.

Les valeurs estimées de D, E_1 et E_2 sont statistiquement différentes de zéro à la probabilité $P = 0,05$. Dans les deux croisements H est négatif, mais en aucun cas la valeur ne diffère significativement de zéro. Ce résultat apparemment impossible est dû à l'effet « pantographique » des soustractions de variances trop voisines (10).

Bien que le « linkage » n'affecte pas les moyennes des générations en ségrégation (MATHER, 1949; GATES, COMSTOCK et ROBINSON, 1957) il se manifeste dans les statistiques du second degré; et le test proposé par MATHER n'est rien d'autre qu'un test d'homogénéité de D et de H dans les variances V_1F_2 et V_1F_3 et dans la covariance V_1F_{23} en supposant un ajustement parfait pour la variance V_2F_3 (Tableau VII).

Tableau VII

Test de Linkage

Origine de la variation	Degré de liberté	Stoneville B-1439 x T.K./1		Novi-Sad x 511	
		Carrés	Variances	Carrés	Variances
Moyennes	2	0,00004608		0,01769474	
Linkage	1	0,00000032	0,00000032	0,00195791	0,00195791
Interaction	1	0,00004576	0,00004576	0,01573683	0,01573683
Répétitions	6	0,02536594	0,00426099	0,00095383	0,00015897
Total sans linkage ..	8	0,02561202	0,00320150	0,01864857	0,00233107
Total avec linkage ..	7	0,02561170	0,00365881	0,01669066	0,00238438

Dans les deux croisements, la variance due aux effets du « linkage » étant inférieure à la variance totale calculée dans l'hypothèse d'un « linkage », la réduction de la somme des carrés des écarts entre les valeurs observées et les valeurs estimées n'est pas statistiquement significative. Il n'y a pas de preuve de l'existence d'une liaison entre les gènes responsables de l'expression du caractère étudié.

La variance de l'interaction résiduelle qui mesure les variations de D et de H dans les variances V_1F_2 et V_1F_3 et dans la covariance V_1F_{23} comme le produirait une interaction génique est inférieure à l'estimation de l'erreur calculée à partir des différences entre les variances observées des deux répétitions pour le premier croisement tandis qu'elle est significativement supérieure dans le second croisement.

La répartition de la variation en ses composantes montre les effets combinés de tous les gènes qui interviennent dans la différence d'expression du caractère étudié entre les deux parents. Ils permettent de dégager trois renseignements sur le mécanisme de la transmission héréditaire du rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier « Upland » :

— la composante non héréditaire E_2 qui a la même importance que la composante héréditaire fixable D obscurcit d'une façon considérable la structure génétique des générations en ségrégation ;

— en l'absence de dominance, cela se traduit par une « heritability » au sens strict du mot en F_2 de l'ordre de 33 % (Tableau VIII) ;

Tableau VIII

« Heritability » selon les trois méthodes exposées par Warner (11)

	Sens	Ston. B-1439 x T.K./1		Novi-Sad x 511	
		1958	1959	1959	1960
$(V_1F_1 - V_1P)/V_1F_2$	large	0,27	0,35	0,10	0,23
$(2 V_1F_2 - V_1R_1 - V_1R_2)/V_1F_2$	strict	0,18	0,35	0,55	
$(1/2 D)/V_1F_2$	strict		0,37		0,40

— l'absence de « linkage » dans les deux croisements permet de prévoir qu'il n'y aura pas de modification des composantes héréditaires au cours des générations successives.

D'autres informations sur le mécanisme de la transmission héréditaire seront fournies par la connaissance du nombre de gènes qui contribuent aux composantes héréditaires de la variation.

NOMBRE DE GÈNES

L'estimation du nombre de gènes en cause est donnée par l'expression $k = (P_1 - P_2)^2/4D$ (rapport du carré de la demi-différence entre les deux parents sur la somme des carrés des effets élémentaires des gènes représentant la composante héréditaire fixable) à condition d'admettre que tous les gènes à effet positif sont concentrés chez un seul des deux parents, que tous les effets positifs sont égaux et qu'il n'y a pas de liaison entre les gènes.

Toutes ces conditions, si elles ne sont pas respectées, entraînent une estimation de k par défaut :

— une concentration incomplète des effets positifs chez l'un des deux parents réduit la différence entre les deux moyennes parentales au-dessous de son maximum sans modifier la valeur de la composante D ;

— toutes variations des accroissements provoquées par des effets positifs inégaux entraînent une augmentation de la valeur de la composante D ;

— deux gènes liés provoquent des ségrégations où semblent agir un nombre de facteurs compris entre 2 (indépendance) et 1 (liaison totale).

L'étude comparative des moyennes de toutes les générations et l'estimation des composantes de la variation des générations en ségrégation n'indiquent pas de désaccord avec les conditions ci-dessus ; et, la différence d'expression du caractère « rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier » entre les 2 parents du croisement Stoneville B-1439 x Réba T.K./1 et les 2 parents du croisement Novi-Sad x Réba 511

dependrait respectivement de 2 (1,8 en 1958 et 2,0 en 1959) et de 3 ou 4 (3,7 en 1959 et 2,8 en 1960) couples de gènes indépendants ayant des effets additifs égaux.

Le nombre de gènes supposé étant faible, il est possible sans de laborieux calculs de trouver les effectifs théoriques des différentes classes de la F_2 et des deux croisements de retour pour 1, 2, 3 et 4 couples de gènes en définissant chaque génotype attendu par une moyenne et une variance (12) déduites des moyennes (additivité) et des variances (homogénéité) des 2 parents du croisement considéré, et de tester si les écarts entre les effectifs observés et les effectifs théoriques calculés d'après le modèle génique adopté sont compatibles avec les fluctuations de l'échantillonnage pour le seuil de signification de 0,05. La valeur observée, en 1959, de la

variété Réba 511 ne vérifiant pas les relations d'additivité entre les moyennes des générations étudiées, les moyennes des génotypes attendus dans les générations en ségrégation du croisement Novi-Sad \times Réba 511 pour l'année 1959 ont été calculées à partir des valeurs des moyennes du Novi-Sad et de la F_1 . La construction de la distribution théorique d'une génération en ségrégation a été effectuée en sommant par classe phénotypique les effectifs théoriques de chaque génotype possible. Ces effectifs théoriques ont été obtenus en multipliant les probabilités calculées à partir de la loi normale (aires des tranches successives limitées par la courbe normale, l'axe des abscisses et des ordonnées élevées aux limites des classes) par la proportion théorique de chaque génotype dans la génération considérée (Tableau IV).

Tableau IX

Construction de la distribution théorique de la F_2 de 1959 (120 plants) du croisement
Stoneville B-1439 \times Réba T.K./1 pour 3 couples de gènes
(Ston B-1439 = 6,083, Réba T.K./1 = 7,983, Ecart type moyen = 0,6465)

Nombre gènes positifs des fréquences génotypes	0	1	2	3	4	5	6	Distribution F_2	
Moyennes phénotypiques ..	1/64	6/64	15/64	20/64	15/64	6/64	1/64		
	6,083	6,400	6,717	7,033	7,350	7,667	7,983		
Classes phénotypiques	Fréquences en 1/64							théorique	observée
5	22	60	30					2	1
6	66	336	570	560	180			27	26
7	32	288	990	1 320	960	204	28	60	50
8		36	210	520	600	396	66	28	38
9					60	120	26	3	5

Comme il était prévisible d'après les relations d'additivité, les ajustements des F_1 aux courbes normales définies par les moyennes arithmétiques et les variances moyennes des parents sont satisfaisants (Tableau X). Les valeurs du «critérium χ^2 » de PEARSON, estimées à partir des écarts entre les effectifs observés et les effectifs théoriques calculés suivant un nombre de paires de gènes allant de 1 à 4 pour les générations F_2 et premiers croisements de retour, montrent qu'il n'y a pas désaccord entre les distributions observées et les lois théoriques établies pour 1 et 2 paires de gènes dans le cas du croisement Stoneville B-1439 \times Réba T.K./1 pendant les deux années d'étude et pour 3 et 4 paires de gènes dans le cas du croisement Novi-Sad \times Réba 511 étudié en 1960. Par contre, en 1959, pour ce dernier croisement, bien que les ajustements des deux croisements de retour aux lois théoriques soient satisfaisants, il y a désaccord pour la distribution observée F_2 qui est fortement dissymétrique.

Cette nouvelle approche de la connaissance du mode de transmission héréditaire du rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier n'infirme pas les résultats obtenus par la méthode de l'analyse des variances de la F_2 et de la F_3 .

L'application du critérium χ^2 , en exigeant des effectifs théoriques d'au moins cinq unités par classe (13), réduit la source d'informations que constituent les effectifs des classes des extrémités dans les études de ségrégations génétiques, et ne permet pas de choisir entre plusieurs lois théoriques possibles. Ce manque de sensibilité par rapport à la méthode de décomposition de la variance des générations en disjonction n'est qu'apparente, car, l'erreur dont est entachée l'estimation de la composante héréditaire fixable introduit une imprécision du même ordre dans la détermination du nombre de gènes responsables de la variation héréditaire.

Tableau X

Ajustements des générations aux lois théoriques

Généra- tions	Nombre de gènes	Effectifs	Stoneville B-1439 x Réba T.K/1											
			1958						1959					
			Classes				χ^2	Probabilités	Classes				χ^2	Probabilités
			5-6	7	8	9-10			5-6	7	8	9-10		
F ₁		Obsér. Théor.	9 8	28 23	18 22	5 7	2,49	0,100 < P < 0,250	13 14	33 33	14 13		0,16	0,900 < P < 0,950
F ₂	1 2 3	Obsér. Théor. Théor. Théor.	24 21 19 18	46 40 42 43	28 39 41 43	22 20 18 16	4,63 6,69 9,69	0,050 < P < 0,100 0,025 < P < 0,050 0,005 < P < 0,010	27 36 33 29	50 47 52 60	38 31 31 28	5 6 5 3	4,16 2,69 6,70	0,100 < P < 0,250 0,250 < P < 0,500 0,050 < P < 0,100
R ₁	1 2 3	Obsér. Théor. Théor. Théor.	20 17 17	16 23 25	24 20 18		3,45 5,77	0,100 < P < 0,250 0,050 < P < 0,100	28 28 30 32	27 25 25 24	5 7 5 4		0,73 0,30 1,12	0,500 < P < 0,750 0,750 < P < 0,900 0,500 < P < 0,750
R ₂	1 2 3	Obsér. Théor. Théor. Théor.		31 21 20	13 23 25	10 16 15	9,10 11,88	0,010 < P < 0,025 P < 0,005	6 7 5 4	25 23 25 26	24 23 25 26	5 7 5 4	0,92 0,24 1,44	0,750 < P < 0,900 0,950 < P < 0,975 0,500 < P < 0,750
Généra- tions	Nombre de gènes	Effectifs	Novi-Sud x Réba 511											
			1959						1960					
			Classes				χ^2	Probabilités	Classes				χ^2	Probabilités
			5	6	7	8			3	4	5	6		
F ₁		Obsér. Théor.		19 19	21 21		0,00	0,990 < P < 1,000		18 22	42 38		1,15	0,250 < P < 0,500
F ₂	1 2 3 4	Obsér. Théor. Théor. Théor. Théor.	6 16 10 8 8	45 60 67 71 70	101 63 69 71 72	8 21 14 10 10	40,83 26,43 24,29 21,51	P < 0,005 P < 0,005 P < 0,005 P < 0,005	3 9 5 3 2	49 41 42 43 43	62 52 61 64 66	6 17 12 10 9	14,60 4,98 2,49 2,57	P < 0,005 0,100 < P < 0,250 0,250 < P < 0,500 0,250 < P < 0,500
R ₁	1 2 3 4	Obsér. Théor. Théor. Théor. Théor.	6 8 7 6 6	29 19 22 23 24	5 13 11 11 10		10,18 5,50 4,83 3,54	0,005 < P < 0,010 0,050 < P < 0,100 0,050 < P < 0,100 0,100 < P < 0,250						
R ₂	1 2 3 4	Obsér. Théor. Théor. Théor. Théor.		5 11 11 10 9	29 20 21 23 24	6 9 8 7 7	8,32 6,82 4,20 2,96	0,010 < P < 0,025 0,025 < P < 0,050 0,100 < P < 0,250 0,100 < P < 0,250						

DISCUSSION ET CONCLUSION

La recherche par l'analyse génétique de la nature de la variabilité héréditaire est indispensable à tout programme d'amélioration. Le sélectionneur sait par expérience personnelle que dans certains croisements entre des variétés de cotonniers « Upland », il est possible dès la F_2 de classer visuellement les lignées en deux ou trois types de port, la variation de plante à plante d'une lignée étant presque toujours inférieure à la variation entre les groupes de lignées de types morphologiques différents. Si cette discrimination visuelle entre les lignées, souvent considérée non comme un critère de sélection mais comme un choix préférentiel (14), peut conduire à des résultats satisfaisants (2); il n'en reste pas moins que le sélectionneur à la vue d'une plante remarquable pour son port ne peut faire la part de ce qui revient aux conditions du milieu et à l'hérédité, ni prédire comment se transmettra la supériorité phénotypique de la plante choisie à la génération suivante. L'étude des éléments du port du cotonnier « Upland » (1) et spécialement l'étude détaillée de la transmission héréditaire du rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier dans 2 croisements intervariétaux, effectuées en faisant appel aux notions de la génétique quantitative, ont permis d'apporter des précisions aux deux problèmes essentiellement pratiques cités ci-dessus et de réduire la part d'arbitraire dans la recherche de l'amélioration de ce caractère.

La part de ce qui revient aux conditions de milieu et à l'hérédité a été estimée dans cette étude par le calcul de l'« heritability » des chercheurs anglosaxons. Cette caractéristique, soumise à la fluctuation sous l'action des années, correspond au coefficient de régression entre les valeurs des génotypes et les valeurs des phénotypes correspondants et n'est autre que le carré du coefficient de corrélation de ces deux séries de valeurs. Pour les deux croisements considérés, la composante non héréditaire ayant une importance relative égale ou supérieure à la composante héréditaire fixable, les valeurs de l'« heritability » calculées sont de l'ordre de 33 %. Bien qu'ignorant le comportement génétique du caractère, la connaissance du degré de correspondance existant entre les valeurs génotypiques et les valeurs phénotypiques permet dès la F_2 de calculer le taux de discrimination (10-1) et de prédire l'influence du génotype dans la génération suivante. Le taux de discrimination pour une « heritability » de l'ordre de 33 % indique qu'il n'est pas possible de choisir une catégorie de plantes plus restreinte de 40 % de la F_2 sans éliminer des plantes non significativement différentes des plantes conservées et il laisserait prévoir une amélioration de longue durée si le nombre approximatif de gènes responsables de la variabilité héréditaire n'avait pas pu être estimé.

La variation due à l'action du milieu est telle qu'elle obscurcit la structure génétique des générations en ségrégation dont la variabilité héréditaire peut être attribuable à un petit ou à un grand nombre de gènes à effets de plus ou moins faible importance (3). D'après le modèle génique adopté, tout se passerait comme si les différences d'expression entre les parents du caractère — rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier — dépendaient d'un petit nombre de gènes indépendants à effets égaux et additifs : 1 à 2 paires de gènes pour les parents Stoneville B-1439 et Réba T.K./1 et 3 à 4 paires de gènes pour les parents Novi-Sad et Réba 511.

Le conditionnel a été utilisé dans toutes les conclusions car étant données : les erreurs des estimations des différentes valeurs calculées, le nombre de conditions établies pour permettre une analyse relativement simple des données et l'imprécision des tests statistiques dans le choix des hypothèses, il est seulement possible d'affirmer que le modèle génique adopté et les résultats obtenus par la méthode de la décomposition de la variance des générations en disjonction, préconisée par MATHER, ne sont pas en désaccord avec les données de l'expérimentation réalisée à la Station de BAMBARI. Les critiques que l'on peut faire à cette méthode d'analyse génétique sont nombreuses; elles ont été mentionnées par J. HUET et R. ECOCHARD (10) dans leur étude sur le blé et ces chercheurs préfèrent les méthodes d'analyse applicables aux croisements diallèles ou à défaut les analyses des régressions des croisements à parent constant quand il est possible de ne pas limiter l'étude à un croisement particulier.

Si du point de vue théorique, la construction d'un modèle génique a pour but de représenter ce qui se passe réellement, du point de vue pratique, un modèle génique simplifié approchant en « gros » le mécanisme réel et résistant à l'épreuve des faits sera plus facilement utilisable par le sélectionneur. En effet, ce dernier ne pourra certainement jamais tenir compte individuellement d'une multitude de gènes, indépendants ou partiellement liés, ayant une dominance propre, une action phénotypique plus ou moins grande et intervenant dans des interactions complexes de loci différents comme par exemple : effets additifs \times effets additifs, effets additifs \times effets de dominance et effets de dominance \times effets de dominance (10-16); mais par contre, une loi plus générale permettra au sélectionneur de prévoir et d'utiliser le phénomène dans son ensemble (10). La loi générale qui se dégage de cette étude montre que le caractère le plus important intervenant dans la structure du port du cotonnier a une hérédité simple, dépendant d'un petit nombre de gènes et fortement influencé par le milieu. Le sélectionneur, préoccupé par l'amélioration du port du cotonnier, dispose d'un critère de sélection facilement mesurable et moins arbitraire que l'impression visuelle et il est assuré d'obtenir un progrès rapide et complet au cours de l'étude d'un petit nombre de générations malgré la forte influence du milieu.

ANNEXE

Analyse de la variation des générations P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , F_3 , d'après la méthode exposée par Mather en 1949 (4)Estimations de E_1 et E_2 pour une répétition de l'essai

a) Données :

- t = nombre de génotypes (P_1 , P_2 et F_1)
 p = nombre de parcelles élémentaires pour chaque génotype

 n = nombre de plants observés dans chaque parcelle élémentaire x_{ij} = une observation du génotype i dans la parcelle élémentaire j T_{1j} = total des observations d'une parcelle élémentaire T_i = total des parcelles élémentaires pour le génotype i FC = facteur de correction = $(\sum x_{ij})^2 / npt$

b) Analyse de la variance :

Sources de variation	Carrés	° L	Variances
Parcelles.....	$\sum T_{1j}^2 / n - FC$	$pt - 1$	
Génotypes	$\sum T_i^2 / np - FC$	$t - 1$	
Entre parcelles/génotype	$\sum (T_{1j} / n - T_i / np)^2$	$(p - 1)t$	$n E_2$
Entre plants/parcelle	$\sum (x_{ij} - T_{1j} / n)^2$	$(n - 1)pt$	E_1
Total	$\sum x_{ij}^2 - FC$	$npt - 1$	

Estimation de $V_1 F_2$ pour une répétition de l'essai

a) Données :

- p' = nombre de parcelles élémentaires F_2
 n = nombre de plants observés dans chaque parcelle élémentaire

 x_{ij} = une observation F_2 dans la parcelle élémentaire j T_{1j} = total des observations d'une parcelle élémentaireFC' = facteur de correction = $(\sum x_{ij})^2 / np'$

b) Analyse de la variance :

Sources de variation	Carrés	° L	Variances
Parcelles.....	$\sum T_{1j}^2 / n - FC'$	$p' - 1$	
Entre plants/parcelle	$\sum (x_{ij} - T_{1j} / n)^2$	$(n - 1)p'$	$V_1 F_2$
Total	$\sum x_{ij}^2 - FC'$	$np' - 1$	

Estimations de $V_1 F_3$ et $V_2 F_3$ pour une répétition de l'essai

a) Données :

- t' = nombre de familles F_3
 p'' = nombre de parcelles élémentaires pour chaque famille F_3
 n = nombre de plants observés dans chaque parcelle élémentaire

 x_{ij} = une observation de la famille i dans la parcelle élémentaire j T_{1j} = total des observations d'une parcelle élémentaire T_i = total des parcelles élémentaires pour la famille i FC'' = facteur de correction = $(\sum x_{ij})^2 / np''t'$

b) Analyse de la variance :

Sources de variation	Carrés	* L	Variances
Parcelles.....	$\Sigma T_{ij}^2/n - FC''$	$p''t' - 1$	
Familles F_2	$\Sigma T_{ij}^2/np'' - FC''$	$t' - 1$	$np'' V_1 F_1$
Entre parcelles/famille.....	$\Sigma (T_{ij}/n - T_i/np'')^2$	$(p'' - 1)t'$	
Entre plants/parcelle.....	$\Sigma (x_{ij} - T_{ij}/n)^2$	$(n - 1)p''t'$	$V_2 F_2$
Total.....	$\Sigma x_{ij}^2 - FC''$		

Estimation de $V_1 F_{23}$ pour une répétition de l'essai

a) Données :

X_i = observation du plant F_2 donnant la famille $F_1 i$

T_i/np'' = moyenne des np'' observations de la famille i

X = moyenne des observations des t' plants F_2

x = moyenne des observations des $np''t'$ plants des t' familles F_2

$$\Sigma (V_1 F_{23}) / r = 1/2 D + 1/8 H$$

$$\Sigma (V_2 F_2) / r = 1/4 D + 1/8 H + E_2$$

$$\Sigma (E_1) / r = E_1$$

$$\Sigma (E_2) / r = E_2$$

b) Détermination des 4 équations par la méthode des « moindres carrés » :

L'équation S (D) s'obtient en effectuant la somme des 6 équations précédentes respectivement multipliées par les coefficients de D qu'elles contiennent :

$$1/2 V_1 F_2 = 1/4 D + 1/8 H + 1/2 E_1$$

$$1/2 V_1 F_3 = 1/4 D + 1/32 H + 1/2 E_2$$

$$1/2 V_1 F_{23} = 1/4 D + 1/16 H$$

$$1/4 V_2 F_2 = 1/16 D + 1/32 H + 1/4 E_1$$

$$S(D) = 13/16 D + 1/4 H + 3/4 E_1 + 1/2 E_2$$

b) Analyse de la covariance :

$$\Sigma (X_i - X) (T_i/np'' - x) = (t' - 1) V_1 F_{23}$$

Estimations de D, H, E_1 et E_2 pour les r répétitions de l'essai

a) Données :

$$\Sigma (V_1 F_2) / r = 1/2 D + 1/4 H + E_1$$

$$\Sigma (V_1 F_3) / r = 1/2 D + 1/16 H + E_2$$

Les équations S(H), S(E_1) et S(E_2) s'obtiennent de la même façon en utilisant tour à tour comme multiplicateur les coefficients de H, E_1 et E_2 :

$$0,812500 D + 0,250000 H + 0,750000 E_1 + 0,500000 E_2 = S(D)$$

$$0,250000 D + 0,097656 H + 0,375000 E_1 + 0,062500 E_2 = S(H)$$

$$0,750000 D + 0,375000 H + 3,000000 E_1 = S(E_1)$$

$$0,500000 D + 0,062500 H + 2,000000 E_2 = S(E_2)$$

Les termes de gauche de ces équations symétriques seront les mêmes pour les essais de ce type, indépendamment des termes de droite qui proviennent des valeurs expérimentales calculées. La réso-

lution des quatre équations peut être effectuée une fois pour toutes à l'aide d'une matrice inverse :

c) Résolution du système symétrique d'équations linéaires à l'aide d'une matrice inverse :

$$\begin{bmatrix} 0,812500 & 0,250000 & 0,750000 & 0,500000 \\ 0,250000 & 0,097656 & 0,375000 & 0,062500 \\ 0,750000 & 0,375000 & 3,000000 & 0,000000 \\ 0,500000 & 0,062500 & 0,000000 & 2,000000 \end{bmatrix} X = \begin{bmatrix} b_{11} & b_{12} & b_{13} & b_{14} \\ b_{21} & b_{22} & b_{23} & b_{24} \\ b_{31} & b_{32} & b_{33} & b_{34} \\ b_{41} & b_{42} & b_{43} & b_{44} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

La valeur des coefficients est indépendante des valeurs des seconds membres et les coefficients symétriques sont égaux :

$$\begin{aligned} b_{11} &= 10,526316 \\ b_{12} = b_{21} &= - 30,315789 \\ b_{13} = b_{31} &= 1,157895 \\ b_{14} = b_{41} &= - 1,684211 \\ b_{22} &= 107,789473 \\ b_{23} = b_{32} &= - 5,894737 \\ b_{24} = b_{42} &= 4,210526 \\ b_{33} &= 0,780702 \\ b_{34} = b_{43} &= - 0,105263 \\ b_{44} &= 0,789474 \end{aligned}$$

d) Valeurs des paramètres D , H , E_1 et E_2 :

$$\begin{aligned} D &= b_{11} S(D) + b_{12} S(H) + b_{13} S(E_1) + b_{14} S(E_2) \\ H &= b_{21} S(D) + b_{22} S(H) + b_{23} S(E_1) + b_{24} S(E_2) \\ E_1 &= b_{31} S(D) + b_{32} S(H) + b_{33} S(E_1) + b_{34} S(E_2) \\ E_2 &= b_{41} S(D) + b_{42} S(H) + b_{43} S(E_1) + b_{44} S(E_2) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} 0,750000 D' + 0,218750 H' + 0,500000 E_1' + 0,500000 E_2' &= S(D') \\ 0,218750 D' + 0,082031 H' + 0,250000 E_1' + 0,062500 E_2' &= S(H') \\ 0,500000 D' + 0,250000 H' + 2,000000 E_1' &= S(E_1') \\ 0,500000 D' + 0,062500 H' + 2,000000 E_2' &= S(E_2') \end{aligned}$$

c) Matrice des multiplicateurs :

$$\begin{aligned} b'_{11} &= 10,526316 \\ b'_{12} = b'_{21} &= - 30,315789 \\ b'_{13} = b'_{31} &= 1,157895 \\ b'_{14} = b'_{41} &= - 1,684211 \\ b'_{22} &= 107,789473 \\ b'_{23} = b'_{32} &= - 5,894737 \\ b'_{24} = b'_{42} &= 4,210526 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} b'_{33} &= 0,947368 \\ b'_{34} = b'_{43} &= - 0,105263 \\ b'_{44} &= 0,789474 \end{aligned}$$

d) Valeurs des paramètres D' , H' , E_1' et E_2' :

$$\begin{aligned} D' &= b'_{11} S(D') + b'_{12} S(H') + b'_{13} S(E_1') + b'_{14} S(E_2') \\ H' &= b'_{21} S(D') + b'_{22} S(H') + b'_{23} S(E_1') + b'_{24} S(E_2') \\ E_1' &= b'_{31} S(D') + b'_{32} S(H') + b'_{33} S(E_1') + b'_{34} S(E_2') \\ E_2' &= b'_{41} S(D') + b'_{42} S(H') + b'_{43} S(E_1') + b'_{44} S(E_2') \end{aligned}$$

e) Valeurs calculées de V_1F_2 , V_1F_3 et V_1F_{23} .

Estimations du linkage et de l'interaction

a) Données :

s_{rr} = valeurs observées de V_1F_2 , V_1F_3 , V_1F_{23} , V_2F_4 , E_1 , E_2 dans la répétition r

En remplaçant D , H , E_1 et E_2 par leur estimation, on obtient les valeurs calculées de V_1F_2 , V_1F_3 , V_1F_{23} et V_2F_4 .

Estimations de D' , H' , E_1' et E_2' dans l'hypothèse de présence de linkage

a) Données :

$$\begin{aligned} \Sigma(V_1F_2) / r &= 1/2 D' + 1/4 H' + E_1' \\ \Sigma(V_1F_3) / r &= 1/2 D' + 1/16 H' + E_2' \\ \Sigma(V_1F_{23}) / r &= 1/2 D' + 1/8 H' \\ \Sigma(E_1) / r &= E_1' \\ \Sigma(E_2) / r &= E_2' \\ \Sigma(V_2F_4) / r &\text{ est exclue, l'ajustement étant sup-} \\ &\text{posé parfait} \end{aligned}$$

b) Détermination des 4 équations par la méthode « des moindres carrés » :

s = valeurs calculées de ces variances sans linkage

s_r = moyenne des valeurs observées d'une variance pour les r répétitions

s' = valeurs calculées de ces variances dans l'hypothèse de linkage

b) Analyse de la variance :

Sources de variation	Carrés	$^{\circ}$ L	Variance
Moyennes	$S_1 = r \sum (s_r - s)^2$	6 - 4	
Linkage	$S_2 = S_1 - S_1$	1	V_5
Interaction	$S_3 = S_2 - S_2$	1	V_5
Répétitions	$S_4 = \sum (s_{rr} - s_r)^2$	6 (r - 1)	V_5
Erreur ($V_2 F_2$ incluse)	$S_1 = \sum (s_{rr} - s)^2$	6 r - 4	V_1
Erreur ($V_2 F_2$ excluse)	$S_1 = \sum (s_{rr} - s)^2$	6 r - 5	V_1

c) Interprétation :

- V_5/V_2 : teste la valeur de l'interaction pour $6(r-1) \cdot L$
- V_5/V_1 : teste la valeur du linkage pour $6r-5 \cdot L$

Variances des composantes et des variances de la variation

a) Variance erreur (V_5) :

- Si les effets du linkage et de l'interaction sont significatifs, la variance erreur est V_5 .
- Si les effets du linkage sont seuls significatifs, la variance erreur est V_1 .
- Si les effets du linkage et de l'interaction ne sont pas significatifs, la variance erreur est V_1 .

b) Estimations des variances :

$$\begin{aligned}
 \text{Variance de D} &= (b_{11} V_5)/r \\
 \text{Variance de H} &= (b_{22} V_5)/r \\
 \text{Variance de E}_1 &= (b_{33} V_5)/r \\
 \text{Variance de E}_2 &= (b_{44} V_5)/r \\
 \text{Variance de } V_1 F_1 &= (b_{11}/4 + b_{22}/16 + b_{33} + b_{12}/4 \\
 &\quad + b_{31} + b_{23}/2) V_5/r \\
 \text{Variance de } V_1 F_2 &= (b_{11}/4 + b_{22}/256 + b_{14} + b_{12}/16 \\
 &\quad + b_{31} + b_{34}/8) V_5/r \\
 \text{Variance de } V_2 F_1 &= (b_{11}/16 + b_{22}/64 + b_{33} + b_{12}/16 \\
 &\quad + b_{13}/2 + b_{23}/4) V_5/r \\
 \text{Variance de } V_1 F_{23} &= (b_{11}/4 + b_{22}/64 + b_{12}/8) V_5/r
 \end{aligned}$$

RÉSUMÉ

L'étude des parents, de la F_1 et des descendance autofécondées en F_2 et en F_3 de 2 croisements réalisés à la Station I.R.C.T. de BAMBARI : Stoneville B-1439 x Réba T.K./1 et Novi-Sad x Réba 511, suivant la méthode de décomposition de la variance décrite par MATHER en 1949 pour les plantes autogames, a permis d'apporter des précisions sur le mécanisme de la transmission héréditaire du caractère — rang du nœud d'insertion de la première branche fructifère sur la tige centrale du cotonnier — caractère le plus important dans la détermination du port du cotonnier « Upland ».

Les variations continues constatées en F_2 sont attribuables pour les 2 croisements à une variation importante due au milieu qui est liée à la ségrégation d'un petit nombre de gènes. Les estimations des composantes héréditaire fixable et non héréditaire de la variation sont très voisines quelque soit le croisement et sont statistiquement différentes de zéro au seuil de probabilité 0,05.

Tout se passerait comme si les différences d'expression entre les parents, pour ce caractère, dépendaient de 1 à 2 paires de gènes dans le premier croisement et de 3 à 4 paires de gènes dans le second, les gènes étant indépendants et ayant des effets égaux et additifs.

Le sélectionneur, préoccupé par l'amélioration du port du cotonnier, dispose d'un critère facilement mesurable et moins arbitraire que l'impression visuelle ; et, il est assuré d'obtenir un progrès rapide et complet au cours de l'étude d'un petit nombre de générations malgré la forte influence du milieu.

BIBLIOGRAPHIE

1. J. BOULANGER. — Les éléments du port du cotonnier Upland. *Coton et Fibres Tropicales* 1964.
2. J. BOULANGER, A. JARRY. — Deux nouvelles variétés de cotonnier en Centrafrique : E 40 et Réba B 50. *Coton et Fibres Tropicales*, vol. XVIII, fasc. 2, 1963.
3. C.E. GATES, R.E. COMSTOCK, H.F. ROBINSON. — Generalized genetic variance and covariance formulae for self-fertilized crops assuming linkage. *Genetics*, vol. 42, n° 6, nov. 1957.
4. K. MATHER. — Biometrical genetics. Methuen and Co. London 1949.
5. R. LAGIERE. — La bactériose du cotonnier dans le monde et en République Centrafricaine. I.R.C.T. 1959.
6. R.G. STEEL, J.H. TURRILL. — Principles and Procedures of Statistics. Mc. Graw Hill Book Company. New-York 1960.
7. M.S. BARTLETT. — The problem in statistics of testing several variances. *Proc. Camb. Phil. Soc.* 30, 1934.
8. R.A. FISHER, F.R. IMMER, O. TEDIN. — The genetical interpretation of statistics of third degree in the study of quantitative inheritance. *Genetics* 17, 1932.
9. K. MATHER, A. VINES. — The inheritance of height and flowering time in a cross of *Nicotiana rustica*. *Agricultural Research Council*, april 1950, London.

10. J. HUET, R. ECOCHARD. — Contribution à l'étude de la génétique quantitative chez une plante autogame: le blé. *Ann. Amélioration Plantes*, 1961.
11. J.N. WARNER. — A method of estimating heritability. *Agro. Journal*, 44, 1952.
12. R.W. ALLARD. — Biometrical approach to plant breeding. Cold Spring Harbor Symposia in Quantitative Biology, vol. XX, 1955.
13. A. VASSEREAU. — Méthodes statistiques en biologie et en agronomie. J.B. Baillière et Fils, éditeurs, Paris 1960.
14. R. De COENE. — Les méthodes et les progrès de la sélection du cotonnier à Bambesa. *Bull. I.N.E.A.C.*
15. J.L. LUSH. — Animal breeding plans. Iowa State College Press, Ames 1945.
16. O. KEMPTHOME. — An introduction to genetics statistics. J. Wiley et Sons, New-York, 1957.

SUMMARY

The study of the parents, of the F_1 and of the self-fertilised descendants in F_2 and F_3 of two crosses made at the I.R.C.T. Station of BAMBARI: Stoneville B-1439 x Réba T.K./1 and Novi-Sad x Réba 511, following the method of decomposition of variance described by MATHER in 1949 for autogamous plants, has permitted precision to be brought to the mechanism of the hereditary transmission of the character « rank of the node of insertion of the first fruiting branch on the central stem of the cotton plant », the most important character in the determination of the structure of Upland cotton.

The continuous variations occurring in F_2 are attributable for both crosses to an important variation due to the environment which is connected with the segregation of a small number of genes. Estimates of the « hereditary fixable » and « non-hereditary » components of the variation are very close whatever the cross and are statistically different from zero at the 0.05 level of probability.

It appears as if differences between the parents in the expression of this character depend on 1 or 2 pairs of genes in the first cross and 3 or 4 pairs of genes in the second, the genes being independent and having equal and additive effects.

The plant-breeder, concerned with the improvement of the structure of the cotton plant, has available a criterion which is easily measurable and less arbitrary than visual impression: he is assured of obtaining rapid and complete progress during the study of a small number of generation in spite of the strong influence of the environment.

RESUMEN

El estudio de los padres de la F_1 y de los descendientes autofecundados en F_2 y en F_3 de dos cruces realizados en la Estación I.R.C.T. de Bambari: Stoneville B-1439 x Réba T.K./1 y Novi-Sad x Réba 511, según el método de descomposición de la variante descrita por MATHER en 1949 para las plantas autógamas, ha permitido aportar precisiones sobre el

mecanismo de la transmisión hereditaria del carácter — lugar del nudo de inserción de la primera rama fructífera en el tallo central del algodón — carácter el más importante para la determinación del porte del algodón « Upland ».

Las variaciones continuas comprobadas en F_2 se atribuyen en los dos cruces a una variación importante debida al medio y ligada a la segregación de un reducido número de genes. Las estimaciones de los componentes hereditario fijable y no hereditario de la variación, son muy próximas sea cual fuere el cruce y estadísticamente son diferentes de cero en el umbral de la probabilidad 0,05.

Todo parece suceder como si las diferencias de expresión entre los padres, para este carácter, dependiesen de 1 a 2 pares de genes en el primer cruce y de 3 a 4 pares de genes en el segundo, siendo los genes independientes y teniendo efectos iguales y aditivos.

El seleccionador, preocupado por la mejora del porte del algodón, dispone de un criterio fácilmente mensurable y menos arbitrario que la impresión visual: y tiene la seguridad de obtener un progreso rápido y completo en el curso del estudio de un pequeño número de generaciones a pesar de la fuerte influencia del medio.

RESUMO

O estudo dos progenitores da F_1 , das descendências autofecundadas na F_2 e na F_3 de 2 cruzamentos realizados na Estação do I.R.C.T. de BAMBARI: Stoneville B-1439 x Réba T.K./1 e Novi-Sad x Réba 511, segundo o método de decomposição da variância descrita por MATHER em 1949 para as plantas autógamas, permitiu esclarecer o mecanismo da transmissão hereditária do carácter — localização do nó de inserção de primeiro ramo frutífero no tronco do algodoeiro — carácter mais importante na determinação do porte do algodoeiro Upland.

As variações continuas constatadas na F_2 são atribuídas, para os 2 cruzamentos, a uma variação importante devida ao meio, e que está ligada à segregação de um pequeno número de gens. As estimativas dos componentes « hereditário fixável » e « não-hereditário » de variação são muito parecidas qualquer que seja o cruzamento e são estatisticamente diferentes de zero no limite de probabilidade 0,05.

Tudo se passaria como se as diferenças de expressão entre os progenitores, para este carácter, dependessem de 1 a 2 pares de gens no primeiro cruzamento e de 3 a 4 pares de gens no segundo, sendo os gens independentes e tendo efeitos iguais e aditivos.

O selecionador, preocupado com o melhoramento do porte do algodoeiro, dispõe de um critério facilmente mensurável e menos arbitrário do que a impressão visual: e, é certo a obtenção de um progresso rápido e completo durante o estudo de um pequeno número de gerações apesar da grande influência do meio.